

“量子龙卷风”吹开黑洞研究之门

科技日报北京3月20日电(记者张佳欣)英国科学家首次创造了一个新的实验平台,即“量子龙卷风”。它能模拟超流体氦中的黑洞,使研究人员能更详细地观察类似黑洞的行为以及周围环境。通过对超流体氦表面微扰动力学的观察,研究人员认为,这些“量子龙卷风”模拟了旋转黑洞附近的引力条件。这项研究20日发表在《自然》杂志上。

为了构建量子模拟器,研究人员使用了超流体氦。超流体氦的黏度极低,只有水的五分之一。由于它运动时没有摩擦,这种形式的氦表现出不寻常的量子效应,被称为量子流体。研究人员把氦放入一个底部装有螺旋桨的罐子里。随着螺旋桨的旋转,超流体氦形成一种类似龙卷风的涡旋。

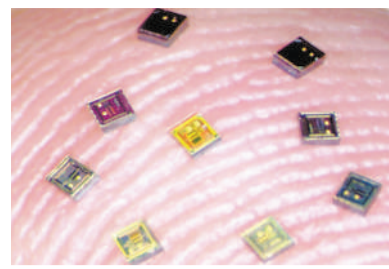
该团队构建了一个定制的低温系统,能够在低于-271℃的温度下容纳

几升超流体氦。在该温度下,液氦获得了不同寻常的量子性质。

论文主要作者、诺丁汉大学数学科学学院帕特里克斯·斯万卡拉博士表示,超流体氦包含被称为量子化涡旋的微小物体,它们往往相互扩散。在新装置中,成功地将数万个这样的量子限制在一个类似于小龙卷风的紧凑物体中,实现了量子流体领域中强度破纪录的涡流。

研究人员发现了涡流和黑洞对周围时空引力影响的相似之处。这一成果为在弯曲时空的复杂领域内模拟有限温度量子场理论开辟了新途径。

领导这项研究的西尔克·魏因富特纳强调了该成果的重要性,他表示,通过更复杂的实验,团队将这项研究的水平提升到了一个新高度,最终可能使科学家能预测量子场在天体物理黑洞周围弯曲时空中的行为。



无线网络能处理数千微芯片数据。图片来源:布朗大学官网

科技日报北京3月20日电(记者张梦然)美国布朗大学研究团队在最新一期《自然·电子学》上描述了一种无线网络。它可有效地传输、接收和解码来自数千个微电子芯片的数据。

研究团队试图模仿大脑神秘且高效的工作方式。对传感器网络的新设计,使得芯片可植入体内或集成到可穿戴设备中。每个亚毫米大小的硅传感器都可模仿大脑中神经元通过电活动尖峰进行通信。传感器将特定事件检测为尖峰,然后使用无线电波实时无线传输该数据,从而节省能源和带宽。

团队在计算机上设计和模拟了复杂的电子设备,并通过多次制造迭代来创建传感器。该研究引入了一种称为“神经颗粒”的新型神经接口系统。该系统使用微型无线传感器的协调网络来记录和刺激大脑活动。

研究人员展示了该系统的效率及其扩展性。他们在实验室中使用78个传感器测试了该系统,发现即使传感器在不同时间传输,也能以很少的错误收集和发送数据。他们还展示了使用大约8000个假设植入的传感器解码从灵长类动物大脑中收集的数据。

研究人员表示,医学界对微型设备的需求日益增长,这些设备既要高效、引人注目,又要能作为大型整体的一部分来运行,以绘制整个感兴趣区域的生理活动图。而今这项研究标志着大规模无线传感器技术向前迈出了重要一步,为下一代可植入和可穿戴生物医学传感器奠定了基础。

大脑是人们迄今所知的最有效率的“机器”。它能以一种非常“稀疏”的方式工作。神经元不会一直放电,它们压缩数据并稀疏地触发,效率高的惊人。研究人员此次就在新开发的无线通信方法中模仿了这种工作方式。传感器不会一直发送数据,它们只是根据需求以短电脉冲的形式发送相关数据,并且它们能够独立于其他传感器发送数据,而无需与中央接收器协调。该方法将节省大量能源,并避免中央接收器中充斥着意义不大的数据。

「类脑」无线网络可处理数千微芯片数据 为下一代可植入和可穿戴传感器奠定基础

总编辑 卷点
全球科技24小时
24 Hours of Global Science and Technology

肺癌蛋白质致命弱点发现

科技日报北京3月20日电(记者张佳欣)肺癌是全球死亡率最高的恶性肿瘤。其中非小细胞肺癌(NSCLC)占比达到85%。表皮生长因子受体(EGFR)是NSCLC最常见的驱动突变基因。现在,一个国际科学家团队首次证明,EGFR的一个关键界面可能会成为更有效的治疗靶点。相关论文19日发表在《自然·通讯》杂志上。

EGFR是一种位于细胞表面的蛋白质。在某些癌症中,基因突变EGFR刺激正常细胞无休止生长,导致肿瘤。多种癌症治疗方法可以阻止和抑制突变EGFR,但EGFR仍可能发生二次突变且产生耐药性,这阻碍了研究人员开发靶向疗法的努力。

在最新研究中,科学家获得了一种已知与肺癌有关的耐药EGFR突变的超分辨率图像。其利用荧光分子光漂白定位成像(FILIP)技术实现。

FILIP首次以小至2纳米的精度显示了耐药EGFR突变中的分子如何相互作用。

瑞士日内瓦大学团队使用计算机模拟,与FILIP分析相结合,提供了突变EGFR复合体的原子细节。由此,研究小组能够比较突变EGFR和健康EGFR的结构细节,以确定对肿瘤生长至关重要的耐药突变中相互作用的分子之间的界面。

研究小组在培养肺癌细胞和小鼠体内引入了耐药EGFR的额外突变,从而干扰了新发现的界面。额外的EGFR突变被证明可以阻止癌症生长,小鼠没有形成肿瘤,表明这种EGFR突变促进癌症形成的能力依赖于这些界面。

研究人员希望,这些界面可以作为新癌症疗法的潜在靶点,以克服EGFR突变获得的耐药性。

每12个恒星或有一个吞过行星

科技日报北京3月20日电(记者张梦然)据《自然》20日消息称,天文学家对91对恒星所作的光谱分析显示,大约每12个恒星中就有一个可能吞下了一个行星。

在吞噬一个行星后,恒星的化学成分可能发生改变,这个过程被称为“行星吸收”。通过比较共出生恒星(同时诞生的两个恒星)的元素组成,有可能在恒星中检测到这些行星的迹象,因为这些恒星有来自起源分子云核的共同组成。

澳大利亚莫纳什大学研究团队此次用盖亚空间望远镜鉴别了91对接近的(即小于106个天文单位距离的)共出生恒星。这些共出生恒星的光谱

数据覆盖了21种元素。相关数据还得到甚大望远镜、麦哲伦望远镜和凯克天文台的协助。

通过比较后,研究团队发现有8%的恒星对中含有一颗恒星有行星吸收迹象。研究还确认,这一观察证据与行星吸收模型一致。

团队成员认为,这种行星吸收现象可能在恒星系统的生命周期内都会发生。因恒星中含有较高浓度的元素,外来干扰(如流浪行星或恒星飞掠)可能会打破系统平衡。另外,行星吸收现象可能在恒星系统形成的最初1亿年间很普遍,但这种早期发生的证据可能不会被发现。

借AI“慧眼”鉴别可疑论文图片

科技创新世界潮 318

◎本报记者 刘霞

今年1月,英国分子生物学家肖尔托·戴维发表文章,指控美国哈佛大学医学院附属丹娜-法伯癌症研究所科学家通过修改图片伪造数据。随后该研究所正式宣布撤回6篇论文,并纠正了另外31篇论文的数据。吹哨人戴维声称,这些造假论文发表于1999年至2017年,其中一些论文刊发于《细胞》和《科学》等顶级科学期刊。戴维使用人工智能(AI)图片分析软件和手动检测发现了论文中的问题。

《自然》网站在近期的报道中指出,上述事件只是冰山一角,对学术论文中出现可疑图片的指控还有很多。面对学术侦探和公众的审查,学术期刊正在积极部署AI工具,以检测出可疑图片。



学术期刊工作人员正在核查分析蛋白质和DNA的可疑图片。图片来源:《自然》网站

4%的论文包含可疑图片。这项研究还显示,从2003年开始,论文中图片重复出现的现象有上升趋势,可能是因为数字摄影技术使修改图片变得更容易。

比克指出,与几十年前相比,现在发表的论文数量与日俱增,论文中出现图片的数量也水涨船高,可疑图片也会有增无减。美国科学公共图书馆出版伦理团队成员蕾妮·霍赫则认为,可疑图片问题的高报告率也可能源于“全球对诚信问题的认识提高,举报行为增多”。

丹娜-法伯癌症研究所正在开展后续调查,该机构研究诚信官员巴勒特·罗林斯表示,尽快纠正错误至关重要,这是具有强大研究诚信的机构的常见做法。不过,她也补充道,论文中出现图片重复或不一致并不能证明作者有意欺骗。

AI或充当“火眼金睛”

为减少可疑图片发表,包括《细胞科学》《公共科学图书馆·生物学》《公共科学图书馆·综合》在内的一些期刊,要求作者除了提交裁剪或处理后的图片外,还要提交原始图片。

许多出版机构计划将ImageTwin、ImaCheck和Proofig等AI工具,纳入出版前检查中。《科学》杂志宣布使用Proofig筛选所有投稿。该杂志主编霍顿·索普表示,Proofig发现了一些问题,编辑因此否决了某些论文的发表,通常作者也对论文中的错误被识别出来表示感谢。

《自然》报道称,即使图片已经被旋转、拉伸、裁剪,或改变了颜色,这些AI系统都可以快速检测出同一篇论文中

的重复图片。当然,不同系统各有不同优势。

比克解释称,Proofig可以发现哪些图片是通过剪切或缝合拼接而来;ImageTwin则使用户能将某篇论文中的图片与其他论文的大型数据集进行交叉检查。而一些出版商也在开发自己的AI图片分析软件。

研究表明,AI工具标记的许多错误也有点“无辜”。Proofig对2021年和2022年初提交给美国癌症研究协会9家期刊的1300多篇论文开展了分析,发现15%的论文可能存在图片重复问题。论文作者的回复表明,207次图片重复中,28%是作者有意为之,例如使用同一张图片说明多个论点;而另外63%是无意的错误。

协同作战不可或缺

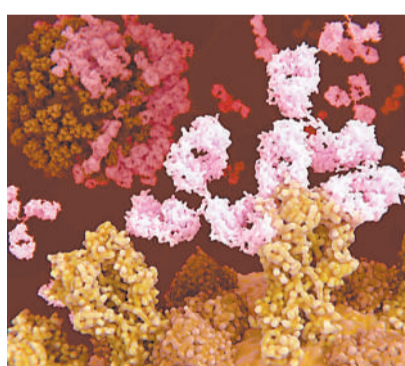
这些科技期刊用户报告称,AI系统肯定能更快、更容易发现某些类型的图片问题。但比克认为,这些AI系统不太擅长发现更复杂的操作,比如AI生成的虚假图片。英国生物学-生化与分子生物学类期刊《恩博报告》主编伯恩德·普尔弗也认为,这些AI工具有助于检测出低级别的诚信违规行为,但更多更严重的问题可能会急剧增加,目前的方法或许很快会过时。

《自然》指出,要想检测出可疑图片,在专家团队的专业素养、技术工具,以及提高警惕性等方面要协同发挥作用。普尔弗表示,随着图片处理变得越来越复杂,查找可疑图片将变得越来越困难。

那么,从长远来看,如何最好地解决图片滥用问题呢?

比克表示,科学家需要更多地关注严谨性和数据的可重复性,对学术端可能带来的影响和后果要保持敬畏之心。

科学家用人工智能设计全新抗体



抗体(粉红色)与流感病毒蛋白(黄色)结合的艺术图。图片来源:《自然》网站

科技日报北京3月20日电(记者刘霞)据英国《自然》杂志网站19日报道,美国华盛顿大学科学家首次使用生成式人工智能(AI)工具,帮助他们制造全新抗体。研究团队表示,AI设计抗体或能更好靶向一些很难被攻击的药物靶点,但这些抗体距离临床应用还有很长的路要走。

研究团队使用了他们去年发布的AI工具RFdiffusion。该工具使研究人员能设计出可与另一种挑选出来的蛋白质紧密结合的迷你蛋白质。这些定制蛋白质与抗体没有相似之处。抗体通过软识别目标,而软环很难用AI建模。

为解决这一难题,研究人员利用在数千个实验中确定的附着在靶标的抗体结构,以及其他抗体样相互作用的真实数据,训练RFdiffusion神经网络,并对其进行了微调。

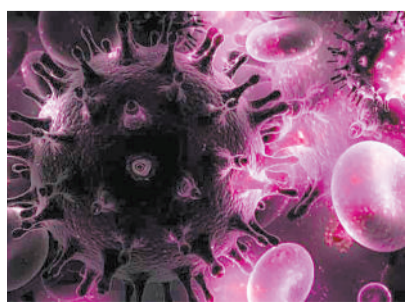
用这种方法,他们设计出了数千种抗体。它们能识别几种细菌和病毒蛋白质(包括新冠病毒和流感病毒用来入侵细胞的蛋白质),以及一个癌症药物靶标的特定区域。

研究人员也在实验室中制造出了抗体,并测试了其能否与正确的靶标结合。结果显示,每100种AI设计的抗体,就有一种如预期那样起作用,但这一成功率低于使用AI设计的其他

类型蛋白质。他们还使用冷冻电子显微技术,确定了其中一种流感抗体结构,发现它识别出了目标蛋白质的预期部分。

研究团队希望RFdiffusion能帮助寻找已被证明具有挑战性的药物靶点,如控制细胞对外部化学物质反应的膜蛋白——G蛋白偶联受体。但团队表示,用RFdiffusion设计抗体到实际应用还要经历很长时间。一方面,起作用抗体与靶点结合力并不是特别强。另一方面,还需要将治疗抗体的序列修饰为与人类天然抗体类似的序列,以免引发免疫反应。

CRISPR能消除培养细胞中艾滋病病毒



利用CRISPR技术消除培养细胞中艾滋病病毒。图片来源:物理学家组织网

科技日报北京3月20日电(记者刘霞)荷兰阿姆斯特丹大学医学院科学家开展的一项新研究证明,利用最新CRISPR-Cas基因编辑技术,能消除实验室中受感染细胞内所有艾滋病病毒(HIV)的痕迹,为治愈艾滋病带来新希望。相关研究论文将提交于4月27日至30日在巴塞罗那举行的欧洲临床微生物学和传染病学大会。

治疗HIV面临的一个重大挑战是,病毒能将其基因组整合到宿主DNA内,这使其极难消除。CRISPR-Cas基因编辑工具为靶向HIV的

DNA提供了一种新手段。

研究人员表示,HIV可感染体内不同类型的细胞和组织。他们的目标是开发出一种强大而安全的CRISPR-Cas组合方案,可在不同细胞环境灭活不同HIV毒株,有望提供一种能有效对付多种HIV变体的广谱疗法。

团队使用CRISPR-Cas和两种gRNA,来对付“保守”的HIV序列。这意味着他们旨在攻击在所有已知HIV毒株基因组内保持不变的部分,并治愈了HIV感染的T细胞。他们进

一步评估了来自不同细菌的各种CRISPR-Cas系统,以确定其治疗感染HIV的CD4 T细胞的有效性和安全性。结果显示,SaCas9系统表现出优异的抗病毒性能,能用单一gRNA完全灭活HIV,并用两种gRNA切除病毒DNA。

研究团队强调,最新研究只是概念验证,不会立刻用于治愈HIV。他们计划进一步优化靶向大多数HIV宿主细胞的递送途径,并将结合CRISPR疗法和受体靶向试剂,开展临床前试验。